

**Untersuchung von Kandidatengenen auf Wurfgrösse beim Schwein: Literaturübersicht  
und eigene Ergebnisse**

*B. Buske, P. Reinecke, G. Brockmann*

*Institut für Nutztierwissenschaften, FG Züchtungsbiologie und molekulare Genetik,  
Invalidenstr. 42, 10115 Berlin*

**Einleitung**

In der Tierzuchtung wird die Eignung von landwirtschaftlichen Nutztieren zur Nutzung gewünschter Merkmale bisher überwiegend nur anhand ihrer phänotypischen Leistung überprüft. Im Hinblick auf Fruchtbarkeitsparameter bei multipaaren Tieren ist dies in der Schweinezucht mit langem Generationsintervall, zuchtorganisatorischem Aufwand, großen Tierzahlen und hohen Kosten verbunden. Die Selektion auf Fruchtbarkeitsmerkmale stellt aber gerade beim Schwein eine aus ökonomischen Gesichtspunkten sehr wichtige Aufgabe der Tierzucht dar (Steinheuer, 2001). Die Anzahl der lebend geborenen Ferkel als eine der wichtigsten Kenngrößen in der Ferkelerzeugung nahm bei der Deutschen Landrasse innerhalb der letzten 30 Jahre sogar von 11,3 auf 10,3 ab. In der Schweinezucht könnte eine Erhöhung der lebend geborenen Nachkommen als wichtigstem Merkmal der Fruchtbarkeit dazu beitragen, auch in Zukunft eine ausreichende Versorgung tierischer Produkte zu gewährleisten. Dies gilt auch dort, wo aufgrund suboptimaler Fütterungsbedingungen (z. B. den Tropen und Subtropen) keine Ausschöpfung des Leistungspotentials bzw. keine Verbesserungen möglich sind. Gelingt es zukünftig, ergänzende molekulargenetische Tests im Rahmen einer Marker gestützten Selektion (MAS) zum Einsatz zu bringen, liessen sich durch Vorselektion zeit- und kostenintensive Testverpaarungen der Elterntiere vermeiden.

Als molekulargenetisches Verfahren, um entsprechende Gene zu detektieren, bietet sich – neben der QTL-Analyse zum Auffinden relevanter Chromosomenregionen – auch der Kandidatengenansatz an, bei welchem ein Gen direkt auf einen gewünschten Parameter hin untersucht wird (Rothschild et al., 2000). 1996 wurde eine Assoziation zwischen dem Östrogen-Rezeptor Gen (ESR) und der Wurfgrösse beim Schwein publiziert (Rothschild et al., 1996). Seitdem wurden mehrere Kandidatengene auf verschiedene Fruchtbarkeitsmerkmale untersucht, teilweise aber auch mit widersprüchlichen Ergebnissen.

Das Ziel dieser Untersuchung war es daher, erstens eine Zusammenstellung aller bisher publizierten Kandidatengene mit Assoziation zu Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schwein anzufertigen, und zweitens, geeignete Kandidatengene an einer kommerziellen Zuchtsauen-

population im Hinblick auf die Wurfgrösse zu untersuchen. Untersucht wurde das Östrogenrezeptor Gen (ESR) aufgrund der bekannten reproduktionsphysiologischen Vorgänge der Östrogenrezeptoren während der Trächtigkeit (physiologischer Ansatz) sowie aufgrund der Tatsache, dass zwischen diesem Gen beim Modelltier Maus Assoziationen zu Fruchtbarkeit besteht (komparativer Ansatz). Das Gen Glutathionperoxidase-5 (GPX5) wurde ausgewählt, da es in einer Chromosomenregion mit nachgewiesenen QTL für Fruchtbarkeitsmerkmale beim Schwein liegt (positioneller Ansatz). Das Gen Fucosyltransferase-1 (FUT1) liegt ebenfalls in einem QTL für Wurfgrösse beim Schwein, ausserdem ist es mit für Durchfallerkrankungen beim Schwein, und damit mit Tiergesundheit assoziiert (positioneller und physiologischer Ansatz).

## **Material und Methoden**

### *Tiermaterial*

Die allgemeinen Anforderungen an das Tiermaterial bestanden im Vorliegen vollständiger Pedigree-Angaben, einheitliche Fütterung, Haltung und Besamung (künstliche Besamung mit einer konstanten Menge an Frischsperma) sowie gute Gesundheit der F<sub>2</sub>-Hybridsauen.

Insgesamt standen 434 F<sub>2</sub>-Hybridsauen der Kreuzung (Large White x Landrasse) x Leicoma der Sauenzuchtanlage Polkenberg (Bundesland Sachsen, Deutschland) zur Verfügung, die mindestens vier Würfe aufwiesen. Es wurden zwei extreme Leistungsgruppen gebildet, bei denen drei Würfe (Würfe 2 bis 4) Berücksichtigung fanden (Tabelle 1). Die Anpaarungen der F<sub>2</sub>-Hybridsauen zur Erzeugung der Mastferkel erfolgten mit Piétrain-Ebern, die zufällig über beide Leistungsgruppen verteilt waren.

Tabelle 1: Leistungsgruppen der F<sub>2</sub>-Hybridsauen auf der Basis insgesamt geborener Ferkel

Leistungsgruppe	Anzahl F <sub>2</sub> -Hybridsauen	$\bar{x}$ der Würfe 2 bis 4	Spannweite
Hochleistungsgruppe	61	15,73	12 - 24
Niedrigleistungsgruppe	62	10,39	3 - 14

### *Genotypisierung der Tiere*

Von den 123 F<sub>2</sub>-Hybridsauen der beiden Leistungsgruppen wurde aus dem Ohrknorpel DNA isoliert. Die Genotypisierung der Gene ESR, GPX5 und FUT1 erfolgte mittels PCR-RFLP Methode und anschliessender Gelelektrophorese sowie Sichtbarmachung der Banden (Genotypen) mittels Transilluminator.

### *Biostatistische Auswertung*

Für jedes Gen wurde mittels Chi-Quadrat- und Fishers Exakt Test geprüft, ob sich die Genotypenverteilungen zwischen den beiden Leistungsgruppen signifikant unterschieden ( $p < 0,05$ ).

## Ergebnisse und Diskussion

Tabelle 2 zeigt eine Übersicht bisher publizierter Arbeiten zu Kandidatengenen mit Assoziation zu Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schwein wie Wurfgrösse, Anzahl insgesamt geborener Ferkel (IGF), Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), Ovulationsrate, Uteruskapazität und Uteruslänge (UL).

Tabelle 2: Kandidatengene mit Assoziation zu Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schwein

Gen	Chr.	Polymorphismus	Merkmal	Referenz
ESR	1	Intron	IGF, LGF	Rothschild et al., 1996
		keine Information	IGF, LGF	Short et al., 1997
		Intron	IGF, LGF	van Rens et al., 2002
		keine Information	IGF, LGF	Matoušek et al., 2003
		keine Information	IGF, LGF	Goliášová und Wolf, 2004
ESR	1	Exon 8	IGF, LGF	Depuydt et al., 1999
PRLR	16	keine Information	IGF, LGF	Vincent et al., 1998
		keine Information	LGF	Drögemüller et al., 2001
		keine Information	IGF, LGF	van Rens und van der Lende, 2002
		Exon	Ovulationsrate, UL	van Rens et al., 2003
FSHb	2	Intron	IGF, LGF	Li et al., 1998
RBP4	14	Intron	IGF, LGF	Rothschild et al., 2000
GNRHR	8	3'UTR	Ovulationsrate	Jiang et al., 2001
LEP	18	Exon 3	IGF, LGF	Korwin-Kossakowska et al., 2002
		Exon 3	Wurfgrösse (1-4 W)	Chen et al., 2004a
		Intron 1	Wurfgrösse (1. W)	Chen et al., 2004a
LEPR	6	Intron 2, Exon 2	Wurfgrösse (1-4 W)	Chen et al., 2004b
OPN	8	Intron	IGF, LGF	Korwin-Kossakowska et al., 2002
BF	7	Intron	IGF, LGF	Buske et al., 2005
FUT1	6	Exon	IGF, LGF	Horák et al., 2005
EPOR	2	Intron 4	Uteruskapazität	Vallet et al., 2005

Tabelle 3: Genotypenverteilung der Gene ESR, GPX5 und FUT1 in den beiden Leistungsgruppen der Sauenzuchtanlage „Polkenberg“

Gen						
Genotyp	ESR		GPX5		FUT1	
	Leistungsgruppe		Leistungsgruppe		Leistungsgruppe	
	niedrig	hoch	niedrig	hoch	niedrig	hoch
AA	8	8	4	3	2	1
AB	54	53	24	17	11*	24*
BB	0	0	34	41	48*	34*
N / Leistungsgruppe	62	61	62	61	61	59
N (gesamt)	123		123		120	

\* bedeuten unterschiedliche Signifikanz;  $p < 0,05$

Genotypen- und Allelfrequenzen über alle F<sub>2</sub>-Hybridsauen: ESR: 13,0% (AA) : 87,0% (AB) : 0,0% (BB) sowie 0,57 (A) : 0,43 (B); GPX5: 5,7% (AA) : 33,3% (AB) : 61,0% (BB) sowie

0,22 (A) : 0,78 (B); FUT1: 2,5% (AA) : 29,2% (AB) : 68,3% (BB) sowie 0,17 (A) : 0,83 (B). Im Hinblick auf das Gen FUT1 konnte gezeigt werden, dass der Genotyp AA, welcher mit Resistenz zu Durchfallerkrankungen beim Schwein assoziiert ist, der seltenste ist. Untersuchungen von Klukowska et al. (1999) und Horák et al. (2005) an osteuropäischen, einheimischen Schweinerassen führten zu demselben Ergebnis. Aus Tabelle 3 geht ferner hervor, dass die Genotypenverteilung nur für das Gen FUT1 in den beiden Leistungsgruppen signifikant verschieden ist. Der heterozygote Genotyp ist mit erhöhter Wurfgrösse assoziiert, was auch von Horák et al. (2005) gefunden wurde. Anhand weiterer Untersuchungen an einer weiteren Zuchtsauenpopulation soll überprüft werden, inwieweit das Gen FUT1 geeignet ist, in die Marker gestützte Selektion mit einbezogen zu werden.

### **Danksagung**

Das Promotionsprojekt wird seitens der H. Wilhelm Schaumann Stiftung unterstützt.

### **Literaturverzeichnis**

- Buske, B., Brunsch, C., Zeller, K., Reinecke, P., Brockmann, G., 2005. J. Anim. Breed. Genet. 122, 259-263.
- Chen, C.C., Chang, T., Su, H.Y., 2004a. Aust. J. Agr. Res. 54, 699-704.
- Chen, C.C., Chang, T., Su, H.Y., 2004b. Anim. Biotechnol. 15, 89-102.
- Depuydt, J., de Smet, S.T., Grijspeerdt, K., Herman, L., 1999. Arch. f. Tierzucht 42, 172-174.
- Drögemüller, C., Hamann, H., Distl, O., 2001. J. Anim. Sci. 79, 2545-2570.
- Goliášová, E., Wolf, J., 2004. Anim. Genet. 35, 293-297.
- Horák, P., Urban, T., Dvořák, J. 2005. J. Anim. Breed. Genet. 122, 210-213
- Jiang, Z., Gibson, J.P., Archibald, A.L., Haley, C.S., 2001. Genome 44, 7-12.
- Klukowska, J., Urbaniak, B., Świtoński, M., 1999. J. Anim. Breed. Genet. 116, 519-524.
- Korwin-Kossakowska, A., Kamyczek, M., Cieślak, D., Pierzchala, M., Kuryl, J., 2002. Animal Science Papers and Reports 20, 159-168.
- Li, N., Zhao, Y.F., Xiao, L., Zhang, F.J., Chen, Y.Z., 1998. Proc., 6<sup>th</sup> World Congr. Genet. Livest. Prod., 26, 183-190, Jan, 11-16, 1998, Armidale, Australia.
- Matoušek, V., Kernerová, N., Kolaříková, O., Křížová, I.I., Urban, T., Vrtková, I., 2003. Czech J. Anim. Sci. 48, 129-133.
- Rothschild, M.F., Jacobson, C., Vaske, D., Tuggle, C., Wang, L., Short, T., Eckardt, G., Sasaki, S., Vincent, A., McLaren, D., Southwood, O., Van der Steen, H., Mileham, A., Plastow, G., 1996. Genetics 93, 201-205.
- Rothschild, M.F., Messer, L., Day, A., Wales, R., Short, T., Southwood, O., Plastow, G., 2000. Mamm. Genome 11, 75-77.
- Short, T.H., Rothschild, M.F., Southwood, O.I., McLaren, D.G., de Vries, A., Van der Steen, H., Eckardt, G.R., Tuggle, C.K., Helm, J., Vaske, D.A., Mileham, A.J., Plastow, G.S., 1997. J. Anim. Sci. 75, 3138-3142.
- Steinheuer, R., 2001. Inaugural-Dissertation an der Tierärztlichen Hochschule Hannover.
- Van Rens, B.T.T.M., Van der Lende, T., 2002. Theriogenology 57, 883-893.
- Van Rens, B.T.T.M., de Groot, P.N., Van der Lende, T., 2002. Theriogenology 57, 1635-1649.
- Van Rens, B.T.T.M., Evans, G.J., Van der Lende, T., 2003. Theriogenology 59, 915-926.
- Vincent, A.L., Evans, G., Short, T.H., Southwood, O.I., Plastow, G.S., Tuggle, C.K., Rothschild, M.F., 1998. Proc., 6<sup>th</sup> World Congr. Genet. Livest. Prod., 27, 15-18, Jan, 11-16, 1998, Armidale, Australia.